

La situación actual del COVID-19 en México y en el mundo

F. ALEJANDRO SÁNCHEZ FLORES

Miembro de la Academia de Ciencias de Morelos

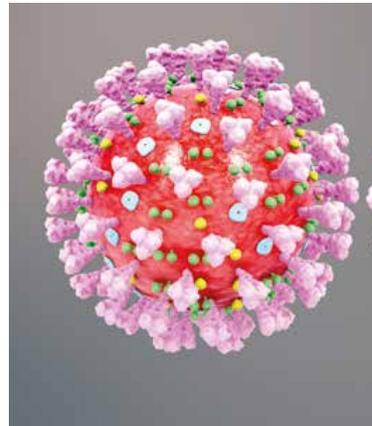
Actualmente el mundo se enfrenta a una pandepidemia generada por el virus SARS-CoV-2 (antes 2019-nCov), cuyo origen y brote se dio en el mes de diciembre del 2019 en la ciudad de Wuhan en China. El agente infeccioso es un coronavirus, el cual puede generar enfermedades respiratorias que comienzan con síntomas simples como fiebre y tos seca, pero que pueden progresar hacia otros padecimientos mucho más graves, como dificultad para respirar o neumonía, que desgraciadamente pueden llegar a causar la muerte de quien las padece. A pesar de que las infecciones por coronavirus no son nuevas, el SARS-CoV-2 es un virus que nunca había estado presente en la población humana. Enfermedades similares como el SARS y MERS (ambas enfermedades respiratorias agudas), iniciaron debido a que “saltan” de otra especie animal (generalmente murciélagos) hacia el ser humano. Este proceso se le llama zoonosis y es, hasta cierto punto, un evento fortuito pero que depende mucho de la frecuencia en el que el humano interactúa con los animales portadores. Aunque los procesos de zoonosis han sido

tema de estudio, aun no es posible predecir ni explicar cuándo y cómo se puede dar un evento de este tipo. En el caso del SARS-CoV-2, las evidencias actuales apuntan a que el virus pasó de alguna especie de murciélago hacia el humano, pasando por algún intermediario aún desconocido. En una primera instancia, se pensaba que había sido a través de los pangolines (una especie de oso hormiguero), pero esto se ha descartado recientemente y aún se desconoce el hospedero intermedio. Por lo tanto, aún existen muchos candidatos a intermediarios del virus y que podría ser cualquiera de las muchas especies animales que se pueden encontrar en el mercado de Wuhan donde se originó el brote epidémico. Recientemente solo se conocían seis cepas de coronavirus que pueden causar enfermedades en humanos. Como ya se ha mencionado con anterioridad, el SARS y el MERS son las enfermedades más graves que causaron grandes problemas y muertes en el 2002 y 2012, respectivamente. Sin embargo, existen otros cuatro coronavirus (229E, OC43, NL63 y HKU1) que son parte de resfriados comunes, sobre todo en gente inmunocomprometida. Lo más preocupante es que el SARS-CoV-2 se ha esparcido rápidamente por todo el mundo y ha causado la muerte de varios individuos.

El uso de la genómica para el estudio del SARS-CoV-2

La genómica es el estudio de los genomas, los cuales son el compendio de toda la información genética de un organismo. Esto es posible gracias a las tecnologías actuales de secuenciación masiva de ADN, que nos permiten caracterizar los genomas en un tiempo muy corto y a un relativo bajo costo. En diciembre, se presentaron varios casos de pacientes en el hospital de Wuhan, quienes sufrían una enfermedad respiratoria con complicaciones muy similares al SARS, pero con resultados negativos en las pruebas diagnósticas para dicha enfermedad. Las pruebas también resultaron negativas para otras enfermedades como influenza o tuberculosis, por lo que los médicos intuyeron que se enfrentaban a una enfermedad causada por un agente patógeno desconocido. Ya con la experiencia del SARS en el 2002, sabían que era posible que un nuevo virus fuera el responsable de esta enfermedad y gracias a las tecnologías de secuenciación de ADN, les fue posible encontrarlo. Al tomar muestras de lavados bronqueo-alveolares de donde extrajeron material genético, pudieron obtener la información de un virus, que resultó muy parecida a la de otro registrado en las bases de datos públicas, y que pertenecía a un coronavirus de murciélago. Con esta información, pudieron comparar el nuevo virus con

los ya conocidos de SARS y MERS, para darse cuenta que se trataba de un virus que, si bien pertenecía a la familia de los coronavirus, tenía características únicas que lo diferenciaba de las seis especies ya conocidas. Ya con esta información, fue posible realizar una prueba molecular basada en las regiones únicas que tiene el nuevo virus y que permite diferenciarlo de cualquier otro coronavirus. Al nuevo virus se le llamó inicialmente 2019-nCov, pero luego fue renombrado como SARS-CoV-2 (Figura 1), causante de la enfermedad ahora conocida como COVID-19 (Coronavirus Disease 2019)



ESTA PUBLICACIÓN FUE REVISADA POR EL COMITÉ EDITORIAL DE LA ACADEMIA DE CIENCIAS DE MORELOS

Para actividades recientes de la academia y artículos anteriores puede consultar: www.acmor.org.mx
 ¿Comentarios y sugerencias?, ¿Preguntas sobre temas científicos? CONTACTANOS: editorial@acmor.org.mx

Ligas de interés

- <https://www.milenio.com/politica/covid-19-descifran-genoma-cor>
- <https://www.eluniversal.com.mx/nacion/sociedad/coronavirus-hay>
- <https://politica.expansion.mx/mexico/2020/03/06/confirman-sexto>
- <https://www.the-scientist.com/news-opinion/how-sars-cov-2-tests>

FIGURA 3. GRÁFICA de la distribución del total de casos confirmados (107,353) de SARS-CoV-2 en el mundo (al 8 de marzo 2020). En la imagen también se aprecia el número de casos de gente recuperada (60,637) y aquellos de muertes (3,646). En la esquina inferior derecha, se aprecia la acumulación de casos con respecto al tiempo, donde se aprecia en la línea amarilla, que la acumulación de casos fuera de China, comienza a incrementar de manera significativa.

Diagnóstico y situación actual mundial

El diagnóstico para SARS-CoV-2 se realiza utilizando dos regiones del genoma (gene E y gene de la RNA polimerasa) del virus, usando sondas de ADN para el ensayo de qPCR (quantitative Polymerase Chain Reaction) y que permite no solo detectarlo, sino también calcular que tanto del virus está presente (carga viral) en el paciente. El diagnóstico molecular es muy importante, ya que muchos de los síntomas (Figura 2) pueden confundirse con el de otras enfermedades respiratorias comunes. Si no se toman las medidas pertinentes, el virus puede contagiarse y se pueden generar complicaciones en menos de dos semanas. Debido a que el sistema inmune de cualquier humano se está enfrentando a un agente patógeno completamente desconocido, el tiempo para poder eliminarlo se prolonga y la enfermedad avanza de manera rápida. Según la información recopilada por el sitio GISAID (<https://www.gisaid.org/epiflu-applications/global-cases-covid-19/>), se reportan 107,357 casos confirmados en 28 países y 3,646 casos reportados de muertes (Figura 3). Se le considera al COVID-19 como un brote epidémico, debido a que es una enfermedad de aparición repentina, provocada por una infección en un lugar específico. Estos a menudo se limitan a un pueblo o una pequeña área. No obstante, dado que se ha extendido a varias regiones continentales, ya se le considera como una pandemia o epidemia global.

Situación actual en nuestro país

El 27 de febrero se detectaron los primeros casos de coronavirus en México. Sin embargo, un grupo de investigadores de diferentes instituciones se habían reunido semanas antes, para realizar un ensayo piloto con la finalidad de estar preparados para la detección y la caracterización del genoma del coronavirus, del primer caso que se registrara en el país. Por lo tanto, un grupo de expertos en las áreas de epidemiología, clínica, genómica y bioinformática, de instituciones como el Instituto Nacional de Enfermedades Respiratorias (INER), El Instituto Mexicano del Seguro Social (IMSS), Instituto Nacional de Ciencias Médicas y Nutrición Salvador Zubirán, el Instituto de Biotecnología de la UNAM y bajo el liderazgo de colegas del Instituto de Diagnóstico y Referencia Epidemiológicos (InDRE), se reunieron para elaborar un plan de acción

Síntomas de la infección por el virus SARS-CoV-2

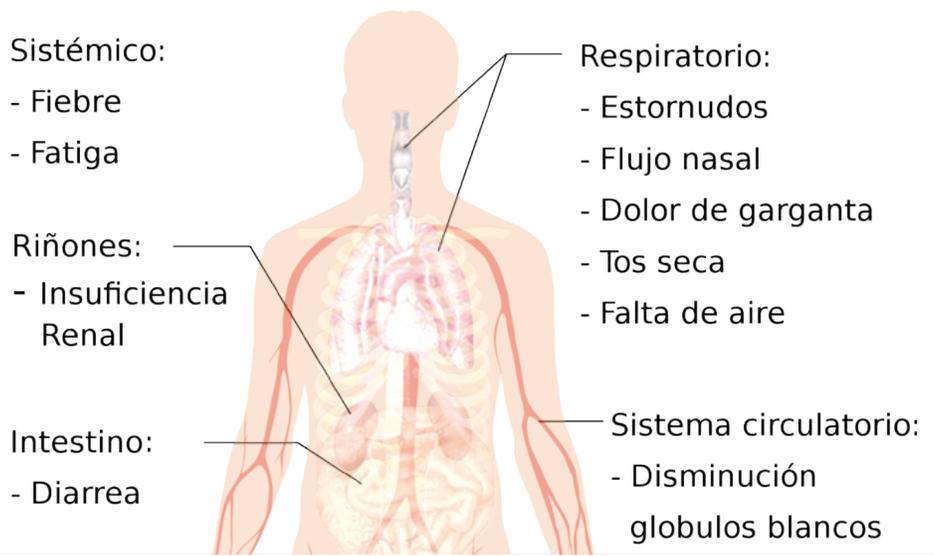


FIGURA 2. SÍNTOMAS de COVID-19. Tomada de <https://es.wikipedia.org/wiki/SARS-CoV-2>.

ante el primer caso de COVID-2019. Explicado de manera muy breve, el ensayo piloto consistió en tomar dos muestras clínicas de dos especies de coronavirus (229E y NL6) que fueron proporcionadas por el IMSS. Estas muestras se repartieron entre los participantes, para poder llevar a cabo protocolos de extracción de material genético, para finalmente realizar la secuenciación del genoma del virus y evaluar los cuellos de botella que pudieran presentarse en cada institución. El resultado, fue que se logró tener la información de las dos cepas virales en un tiempo de siete días y se evaluaron problemas generados durante el proceso, los cuales fueron corregidos.

Para el primer caso de coronavirus registrado en el país, el INER realizó las pruebas moleculares a un paciente de 35 años que había estado en Italia y que presentaba síntomas de COVID-19. Después de realizar las pruebas moleculares correspondientes, se reportó a este paciente como el primer caso positivo en México e inmediatamente se comenzó el proceso para caracterizar el genoma del SARS-CoV-2. En un lapso de 72 horas, el InDRE realizó la caracterización del genoma y la información fue depositada en el sitio de GISAID, con lo que México compartía la información genética del virus que había entrado al país unos días antes. La información genética corroboró los datos epidemiológicos que se tenían con respecto al paciente, el cual había estado en Italia en una convención donde estuvo sentado durante varias horas, junto a una persona que ya estaba infectada por el SARS-CoV-2. A su regreso a México y después de ser diagnosticado, se comenzó un rastreo de la gente con la que había estado en contacto tanto en el vuelo, como posterior a su llegada. Esto permitió identificar a cinco casos más. Los últimos reportes de casos diagnosticados como positivos en nuestro país, es de siete casos (al 8 de marzo del 2020) de los cuales son dos mujeres y cinco hombres, con edades variadas. Llama la atención que el caso más reciente, ya no corresponde a un contacto o estadia en Italia, sino que la persona infectada estuvo en contacto con alguien de Estados Unidos de América y que se encuentra enferma con COVID-19. Por lo tanto, en el país se registran dos entradas diferentes del virus, por lo que caracterizar y comparar su información genética será de gran importancia para los estudios epidemiológicos relacionados con la enfermedad.

Prevención y precauciones

La estrategia más efectiva para evitar el contagio y la diseminación de COVID-19 está relacionada con hábitos de higiene. De la misma manera que se hizo para la pandemia de influenza en el 2009, estas son las recomendaciones que se deben seguir para evitar contagios:

- ✓ 1.- No alarmarse.
- ✓ 2.- No acudir a sitios muy concurridos.
- ✓ 3.- Lavarse frecuentemente las manos con agua y jabón (si no es posible, utilizar alcohol en gel)
- ✓ 4.- Toser y estornudar en un pañuelo o en el ángulo del codo.
- ✓ 5.- Prevenir el contacto con personas con síntomas gripales.
- ✓ 6.- En caso de tener dificultad para respirar, acudir a su centro de salud más cercano.

Esta columna se prepara y edita semana con semana, en conjunto con investigadores morelenses convencidos del valor del conocimiento científico para el desarrollo social y económico de Morelos. Desde la Academia de Ciencias de Morelos externamos nuestra preocupación por el vacío que genera la extinción de la Secretaría de Innovación, Ciencia y Tecnología dentro del ecosistema de innovación estatal que se debilita sin la participación del Gobierno del Estado.

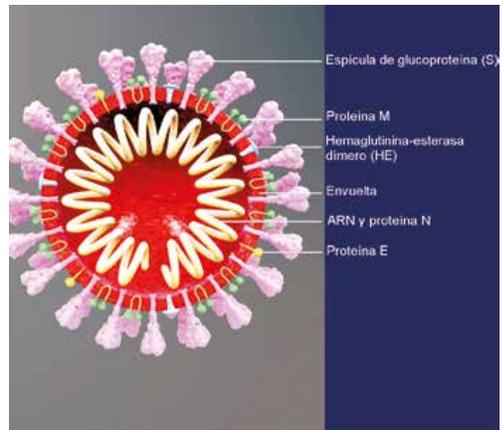


FIGURA 1. REPRESENTACIÓN gráfica del coronavirus SARS-CoV-2. Debido a la forma que presentan su cobertura externa, al ser observado en el microscopio, asemeja la forma de una corona. Tomada de: <https://es.wikipedia.org/wiki/SARS-CoV-2>.